



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE HIDALGO

INSTITUTO DE CIENCIAS AGROPECUARIAS

ÁREA ACADÉMICA DE CIENCIAS
AGRÍCOLAS Y FORESTALES

VARIACIÓN GENÉTICA EN UN ENSAYO DE
PROGENIE DE 64 FAMILIAS DE
Pinus patula Schiede ex Schltdl. et Cham.
EN CHIGNAUTLA, PUEBLA, MÉXICO

TESIS PROFESIONAL
QUE PARA OBTENER EL TÍTULO DE:
LICENCIADA EN INGENIERÍA FORESTAL

PRESENTA:
MARIANA GUADALUPE PÉREZ BOLOM

DIRECTOR:
DR. RODRIGO RODRÍGUEZ LAGUNA

CODIRECTOR:
M. EN C. MARIO ABIQUEL PÉREZ MARTÍNEZ

TULANCINGO, HIDALGO, Enero/2026.



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE HIDALGO

INSTITUTO DE CIENCIAS AGROPECUARIAS

ÁREA ACADÉMICA DE CIENCIAS
AGRÍCOLAS Y FORESTALES

VARIACIÓN GENÉTICA EN UN ENSAYO DE
PROGENIE DE 64 FAMILIAS DE
Pinus patula Schiede ex Schltdl. et Cham.
EN CHIGNAUTLA, PUEBLA, MÉXICO

TESIS PROFESIONAL

QUE PARA OBTENER EL TÍTULO DE:

LICENCIADA EN INGENIERÍA FORESTAL

PRESENTA:

MARIANA GUADALUPE PÉREZ BOLOM

DIRECTOR:

DR. RODRIGO RODRÍGUEZ LAGUNA

CODIRECTOR:

M. EN C. MARIO ABIQUEL PÉREZ MARTÍNEZ

COMITÉ ASESOR

DR. REYNOL FIERROS MATEO

DR. RAMÓN RAZO ZÁRATE

M. EN C. TOMÁS ESCOBEDO LUNA

TULANCINGO, HIDALGO, Enero/2026.



Santiago Tulantepec de Lugo Guerrero, Hidalgo; a 16 de enero de 2026.
Asunto: Autorización de impresión de tesis

Mtra. Ojuky del Rocío Islas Maldonado
 Directora de Administración Escolar
 Presente

Por este conducto informo que el jurado asignado a la pasante de la Licenciatura de Ingeniería Forestal **Mariana Guadalupe Pérez Bolom**, con número de cuenta **440369**, ha autorizado a impresión de tesis titulada **"VARIACIÓN GENÉTICA EN UN ENSAYO DE PROGENIE DE 64 FAMILIAS DE *Pinus patula* Schiede ex Schtdl. et Cham. EN CHIGNAUTLA, PUEBLA, MÉXICO"**. Esto después de que la alumna realizó las correcciones acordadas.

A continuación, se anotan las firmas de conformidad de los integrantes del jurado:

Presidente: Dr. Ramón Razo Zárate

Secretario: Dr. Rodrigo Rodríguez Laguna

Vocal 1: M en C Mario Abiquel Pérez Martínez

Vocal 2: M en C Tomás Escobedo Luna

Suplente: Dr. Reynol Fierros Mateo

ATENTAMENTE
 "Amor, Orden y Progreso"

Dr. José González Ávalos
 Coordinador del Programa Educativo de Ingeniería Forestal

Dr. Armando Peláez Acero
 Director del ICAP

Avenida Universidad #133. Col. San Miguel Huatengo.
 Santiago Tulantepec de Lugo Guerrero, Hidalgo.
 México. C.P. 43775.
 Teléfono: 7717172001 Ext. 42173
 profe_5566@uaeh.edu.mx

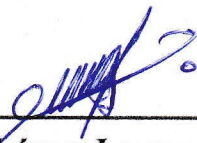
"Amor, Orden y Progreso"



La presente tesis titulada **Variación genética en un ensayo de progenie de 64 familias de *Pinus patula* Schiede ex Schltdl. et Cham. en Chignautla, Puebla, México**, fue realizada por la pasante: **Mariana Guadalupe Pérez Bolom**, bajo la dirección del Dr. Rodrigo Rodríguez Laguna y Codirección del M. en C. Mario Abiquel Pérez Martínez y el comité Revisor indicado, ha sido aprobada por los mismos y aceptada como requisito parcial para obtener el título de:

LICENCIADA EN INGENIERÍA FORESTAL

COMITÉ REVISOR



Dr. Rodrigo Rodríguez Laguna

Director



M. en C. Mario Abiquel Pérez Martínez
Codirector



Dr. Reynol Fierros Mateo
Asesor



Dr. Ramón Razo Zárate
Asesor



M. en C. Tomás Escobedo Luna
Asesor

AGRADECIMIENTOS

Desde que tengo memoria, alguien me dijo que la escuela es como una escalera: con cada escalón que subimos, el camino se vuelve más difícil. Sin embargo, también es una oportunidad para superarse, aprender y fortalecerse. Hoy, agradezco a Dios por haberme permitido llegar a un escalón más en este trayecto. Aunque el camino aún continúa, cada paso me acerca más a la cima, y este logro representa no solo un avance académico, sino también personal.

A mi director de tesis, Dr. Rodrigo Rodríguez Laguna, gracias por su apoyo constante en esta investigación, por impulsarme a ser una mejor persona y profesional, y por brindarme su confianza a lo largo de la carrera.

A mi codirector, M. C. Mario Abiquel Pérez Martínez, por su guía, paciencia y valiosa ayuda en el desarrollo de esta investigación.

A los miembros de mi comité asesor, Dr. Reynol Fierro Mateo, Dr. Ramón Razo Zárate, M. en C. Tomás Escobedo Luna, por su tiempo, disposición y por los importantes aportes que realizaron para enriquecer este trabajo.

A todos mis profesores, en especial al Dr. Juan Capulín Grande y al Dr. Joel Meza Rangel, por sus enseñanzas, consejos y por motivarme a seguir creciendo profesionalmente.

DEDICATORIA

A mi madre, Benita Bolom González, por su amor incondicional, sus consejos y su apoyo en cada paso de mi vida. Gracias por ser mi inspiración y por enseñarme el valor de la perseverancia

A mi padre, Mario Abiquel Pérez Martínez, por todo su sacrificio y por darme siempre la fuerza necesaria para seguir adelante. Hubo tiempos difíciles y sé que sacrificaste mucho por mí. Estoy orgullosa de lo que eres y de todo lo que me has enseñado. Agradezco tu amor incomparable que me ha hecho ser quien soy hoy.

A mi hermanito Beymar Abiquel Pérez Bolom, por llenarme de alegría y ser un pilar en mi vida. Eres una bendición que ilumina mis días.

A aquellas personas que nunca estuvieron conmigo, su ausencia nunca me hizo falta, porque siempre conté con el amor y el apoyo incondicional de mis padres.

Y a Dios, por sus infinitas bendiciones, por guiarme en cada momento y por darme la sabiduría y la fortaleza para concluir este logro

ÍNDICE

	Pág.
ÍNDICE DE CUADROS	III
ÍNDICE DE FIGURAS	IV
RESUMEN	V
ABSTRACT	VI
1. INTRODUCCIÓN	1
2. OBJETIVO GENERAL	3
2.1. OBJETIVOS ESPECÍFICOS	3
3. HIPÓTESIS	3
4. MARCO TEÓRICO	4
4.1. Descripción taxonómica del <i>Pinus patula</i> Schiede ex Schltdl. et Cham.	4
4.2. Descripción botánica	4
4.3. Distribución natural	5
4.4. Principales plagas y enfermedades asociadas a la especie	5
4.5. Calidad de sitio	7
4.6. Clasificación del sitio	8
4.7. Tipos de patrón de crecimiento en arboles	8
4.7.1. Crecimiento autónomo:	8
4.7.2. Crecimiento Fijo:	9
4.7.3. Crecimiento fijo-libre:	9
4.7.4. Crecimiento fijo-fijo:	9
4.8. Patrón de crecimiento de <i>Pinus patula</i>	9
4.9. Recursos genéticos forestales	9
4.10. Mejoramiento genético	10
4.11. Importancia de conservar los recursos genéticos forestales	11
4.12. Variabilidad genética forestal	11
4.13. Causas de la variabilidad genética forestal	12
4.14. Ensayos de procedencias	12

4.15. Pruebas de procedencias	13
4.15.1. La importancia de la procedencia	14
4.16. Rodales semilleros	15
4.17. Huerto semillero	15
4.18. Conservación in situ	16
4.19. Conservación ex situ	16
4.20. Árboles plus	17
4.21. Consideraciones generales	17
4.22. Principales métodos generales que se utilizan para la selección de árboles plus	18
4.22.1. Método de árboles de comparación	18
4.22.2. Método de selección por regresión o de la línea base	19
4.22.3. Método de valoración individual	19
4.23. Estudios realizados sobre el tema	20
5. MATERIALES Y MÉTODOS	21
5.1. Ubicación del área de estudio	21
5.2. Colecta de germoplasma	22
5.3. Producción de planta	23
5.4. Descripción del área de estudio	24
5.5. Diseño experimental	24
5.6. Medición de las características dasométricas	25
5.7. Altura total	25
5.8. Diámetro normal	26
5.9. Verticilos	27
5.10. Análisis estadístico	27
6. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	29
6.1. Altura total	29
6.2. Diámetro normal	31
6.3. Verticilos	32
6.4. Componentes de varianza	33
7. CONCLUSIONES	36
8. REFERENCIAS	37

ÍNDICE DE CUADROS

	pág.
Cuadro 1. Origen de árboles superiores utilizados para la recolección de germoplasma (progenitores) con el fin de establecer el ensayo de progenie de 64 familias de <i>Pinus patula</i> en Chignautla, Puebla, México.	23
Cuadro 2. Resultados del análisis de varianza para altura total, diámetro normal y número de verticilos en 64 familias del ensayo de progenie de <i>Pinus patula</i> en Chignautla, Puebla, México.	29
Cuadro 3. Resultados de componentes de varianza en altura total, diámetro y número de verticilos en 64 familias de un ensayo de progenie de <i>Pinus patula</i> establecidas en Chignautla, Puebla, México.	35

ÍNDICE DE FIGURAS

	Pág.
Figura 1. Localización del ensayo de progenie de 64 familias de <i>Pinus patula</i>	21
Figura 2. Tipo de suelo en el área de estudio que corresponde a Regosol Éutrico, fuente: CONABIO, 2025.	22
Figura 3. Diseño experimental del ensayo de progenie de 64 familias de <i>Pinus patula</i> realizado en bloques completamente al azar en Chignautla, Puebla, México.	25
Figura 4. Medición directa de altura total de árboles de <i>Pinus patula</i> del ensayo de progenie en Chignautla, Puebla, México.	26
Figura 5. Medición directa del diámetro normal en árboles de <i>Pinus patula</i> en el ensayo de progenie, plantado en Chignautla, Puebla, Utilizando un calibrador con precisión al milímetro.	27
Figura 6. Valores promedio en altura total en 64 familias del ensayo de progenies de <i>P. patula</i> a 3.8 años de plantadas en la localidad Los Caracoles de Bienes Comunales Chignautla, Puebla. Se representan solo 5 familias con valores superiores y 5 familias con valores inferiores.	30
Figura 7. Diámetro normal promedio en 64 familias del ensayo de progenie de <i>P. patula</i> a 3.8 años de plantadas en la comunidad Los Caracoles de Bienes Comunales Chignautla, Puebla. Se presentan solo 5 familias con valores superiores y 5 familias con valores inferiores.	31
Figura 8. Número de verticilos en las familias destacadas del ensayo de progenie de <i>P. Patula</i> a los 3.8 años de plantadas en Los Caracoles dentro de los Bienes Comunales Chignautla, Puebla. Se presentan solo 5 familias con valores superiores y 5 familias con valores inferiores.	32

RESUMEN

Los árboles pueden transmitir características a su descendencia, lo que posibilita que se hagan ensayos de progenie para determinar el potencial genético de familias de diferentes poblaciones. Estos estudios ayudan a elegir materiales excepcionales para iniciativas de mejora de Reforestaciones y plantaciones comerciales, ya que identifican individuos con un crecimiento y adaptación superiores. Por ello, el objetivo de este estudio fue evaluar la variación genética en características dasométricas a los 3.8 años de edad. El ensayo de progenie de *Pinus patula* se estableció en 2019 en Chignautla, Puebla. Con un diseño de bloques completamente al azar con 21 repeticiones, se evaluaron 64 familias, considerando 17 bloques para el análisis. La plantación se realizó en un área de 1.43 hectáreas, con un arreglo de plantación de marco real y una distancia de 3 × 3 m. Se midieron tres variables dasométricas (altura total, diámetro normal y número de verticilos) y se aplicó un análisis de varianza (ANOVA), estimación de componentes de varianza y prueba de rango múltiple de Duncan. Se detectaron diferencias significativas ($P \leq 0.0001$) entre familias para las tres variables. En el resultado se encontró que la familia 67 (Tlahuiltepa, Hidalgo) presentó los mayores promedios en altura (395.7 cm) y diámetro normal (5.0 cm), superando en 30.5 % y 44.7 %, respectivamente, a la familia 3 (Tlatlauquitepec, Puebla). En número de verticilos, la familia 48 (Huayacocotla, Veracruz) obtuvo el mayor valor con 8 verticilos, mientras que la familia 58 registró el menor con 6, lo que representa una diferencia de 33.3 %. Los componentes de varianza atribuibles a las familias fueron bajos (3.2 % en altura, 3.9 % en diámetro y 3.6 % en verticilos), lo que indica una mayor influencia del ambiente que de la genética. A pesar de ello, el ensayo demostró variabilidad genética en las tres variables, destacando las procedencias de Huayacocotla (Veracruz) y Tlahuiltepa (Hidalgo) por su rendimiento, lo que evidencia su potencial para programas de gestión forestal y selección genética en la región.

Palabras clave: potencial genético, ensayo de progenie, componentes de varianza, *Pinus patula*, genética.

ABSTRACT

Trees can transmit traits to their offspring, making it possible to conduct progeny trials to determine the genetic potential of families from different populations. These studies help select exceptional materials for reforestation improvement initiatives and commercial plantations, as they identify individuals with superior growth and adaptation. Therefore, the objective of this study was to evaluate the genetic variation in dendrometric characteristics at 3.8 years of age. The *Pinus patula* progeny trial was established in 2019 in Chignautla, Puebla. Using a completely randomized block design with 21 replicates, 64 families were evaluated, with 17 blocks considered for analysis. The plantation was established in an area of 1.43 hectares, with a square planting arrangement and a spacing of 3×3 m. Three dendrometric variables (total height, diameter at breast height, and number of whorls) were measured, and an analysis of variance (ANOVA), variance component estimation, and Duncan's multiple range test were applied. Significant differences ($P \leq 0.0001$) were detected among families for all three variables. The results showed that family 67 (Tlahuiltepa, Hidalgo) had the highest average height (395.7 cm) and diameter at breast height (5.0 cm), exceeding family 3 (Tlatlauquitepec, Puebla) by 30.5% and 44.7%, respectively. Regarding the number of whorls, family 48 (Huayacocotla, Veracruz) had the highest value with 8 whorls, while family 58 had the lowest with 6, representing a difference of 33.3%. The variance components attributable to families were low (3.2% in height, 3.9% in diameter, and 3.6% in whorls), indicating a greater influence of the environment than of genetics. Despite this, the trial demonstrated genetic variability in all three variables, with the Huayacocotla (Veracruz) and Tlahuiltepa (Hidalgo) provenances standing out for their yield, highlighting their potential for forest management programs and genetic selection in the region.

Keywords: genetic potential, progeny trial, variance components, *Pinus patula*, genetics.

1. INTRODUCCIÓN

Las plantaciones comerciales exitosas comienzan con un programa de mejora genética, el cual, implica la elección de procedencias y familias con mejor adaptación y crecimiento al sitio. El mejoramiento genético de los bosques se concentra en el incremento y la excelencia de los árboles, así como, en su capacidad de adaptación a las variaciones del entorno. La evaluación de la calidad de las plantas permite determinar su habilidad para crecer y adaptarse a las condiciones climáticas y del suelo del lugar de plantación. Esto, depende de la genética de la semilla y de las técnicas de reproducción en vivero. Utilizar plantas de calidad promueve el éxito en las plantaciones o reforestaciones como el caso de *Pinus patula* (Rodríguez-Vázquez *et al.*, 2021).

Pinus patula, es una especie de conífera nativa de regiones de bosque de pino y bosque de pino-encino en México. Se extiende de manera natural sobre las cadenas montañosas de la Sierra Madre Oriental, el Eje Neovolcánico y la Sierra Madre de Oaxaca, en los estados de Hidalgo, Nuevo León, Oaxaca, Puebla, Estado de México, Querétaro, Tamaulipas, Tlaxcala, Veracruz (Pérez-Miranda *et al.*, 2013). Entre las coordenadas geográficas de 17° a 24° de Latitud Norte y de 97° a 99° de Longitud Oeste. En altitudes de 1500 a 3100 msnm y con precipitaciones anuales mínimas de 600 mm, llegando a alcanzar hasta 2500 mm anuales. (Dámaso, 2013). Esta especie presenta un valor económico y ambiental importante en entorno natural, así como, en ensayos de progenie.

El ensayo de progenie implica el cultivo de plantas en vivero y posterior trasplante al campo, con el fin de evaluar el crecimiento de las descendencias de árboles seleccionados en un determinado diseño experimental. El uso de métodos estadísticos como el análisis de varianza posibilita la segregación de la variabilidad causada por distintas variables genéticas, ambientales y su interacción. De esta manera, se puede evaluar de manera imparcial a los padres y/o a su descendencia (Flores-Flores *et al.*, 2014). Por otro lado, se ha demostrado que los árboles pueden transmitir rasgos a su progenie; por lo tanto, el mejoramiento genético forestal se concentra en aumentar la calidad y cantidad de los árboles, así como, en su capacidad de adaptación a cambios ambientales. De modo que, darle seguimiento a la planta desde edades tempranas favorece identificar su habilidad para crecer y desarrollarse en las condiciones climáticas y del suelo donde sea plantada, lo cual, está influenciado por las características genéticas del germoplasma (Rodríguez-Vázquez *et al.*, 2021).

Salaya-Domínguez y colaboradores (2012), estudiaron el crecimiento de distintas generaciones con variaciones genéticas en dos pruebas en entornos diferentes: Aquixtla, Puebla, a 2930 msnm (S1) y Acaxochitlán, Hidalgo, a 2260 msnm (S2). A los 6 años evaluaron la supervivencia, y a los 5 y 6 años midieron el diámetro normal y altura total, después en gabinete obtuvieron el volumen del tronco de 36 familias mejoradas en Colombia y Sudáfrica (grupo M), así como, de 36 nativas seleccionadas por características fenotípicas (grupo S). Los autores concluyeron que la interacción genotipo-ambiente fue elevada debido a los bajos valores de rendimiento de semilla en ambas etapas. En todas las características, las familias del grupo M mostraron una limitación genética Tipo B más alta en comparación con las familias del grupo S, lo que sugiere que el grupo M es más resistente a varios ambientes debido a posibles mejoras en su genética. El conjunto de descendientes de las familias S consiste en árboles silvestres altamente inestables ante cambios ambientales, por lo tanto, la selección de los mejores genotipos para plantaciones comerciales estará condicionada al entorno de plantación.

En una investigación adicional (Morales-González *et al.*, 2013) analizaron características genéticas de *Pinus patula* en un ensayo de progenies ubicado en dos altitudes distintas (S1 = 2660 m y S2 = 2980 m). Cada prueba contó con 84 familias de medios hermanos en un diseño de bloques incompletos al azar, con 20 repeticiones, donde, se midió altura, diámetro del fuste a 30 cm y 1.3 m, número de verticilos, volumen y supervivencia. Disparidades significativas se observaron en el desarrollo de las 84 familias analizadas en cada prueba. La respuesta más destacada fue encontrada en Chichicaxtla, que es el lugar que se encuentra a la menor altitud. Se notó una situación parecida en cuanto a las heredabilidades, correlaciones genéticas y fenotípicas, posiblemente porque las condiciones ambientales en ese lugar eran más propicias para el crecimiento de la especie.

En la región Chignautla, Puebla se carece de información sobre procesos de mejoramiento genético en *Pinus patula* de manera que a través del ensayo de progenie se propicia el interés en los silvicultores para establecer programas de plantaciones comerciales que permitan establecer estrategias para incrementar la productividad de los bosques y generen bienestar en las comunidades rurales de la región.

2. OBJETIVO GENERAL

- Determinar la variación genética en características dasométricas de un ensayo de progenie de 64 familias de *Pinus patula* después de 3.8 años de plantados en campo en Chignautla, Puebla, México.

2.1. OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Evaluar la variación genética en la variable altura total y diámetro normal de las 64 familias de *Pinus patula* en el ensayo de progenie.
- Determinar las familias de *P. patula* que muestran mejor adaptación al sitio de plantación después de 3.8 años de establecido en campo.

3. HIPÓTESIS

El establecimiento de un ensayo de progenie con 64 familias de *Pinus patula* de 3.8 años permitirá diferenciar familias con mejor adaptación al sitio para que a corto plazo puedan producir obtener semilla con mejora genética de la especie para distribuir en la región.

4. MARCO TEÓRICO

4.1. Descripción taxonómica del *Pinus patula* Schiede ex Schltdl. et Cham.

Reino: Plantae

Filo: Tracheophyta

Clase: Pinopsida

Orden: Pinales

Familia: Pinaceae

Género: *Pinus*

Especie: *Pinus patula* Schiede ex Schltdl. et Cham.

Nombres comunes: Ocote, ocote colorado, ocote macho, pátula, pino, pino chino, pino candelabro, pino colorado, pino gelecate, pino llorón, pino pátula, pino triste, pino xalocote (Vallejo y Zapata, 2018).

4.2. Descripción botánica

Árboles que pueden alcanzar 40 metros de altura y 100 centímetros de diámetro a la altura del pecho, normalmente con tronco recto y delgado; cuando crecen en grupos con el dosel cerrado, el tamaño de la copa cónica tiene alrededor del 33%. La corteza de árboles jóvenes es delgada y escamosa, de tono marrón rojizo, mientras que en árboles más viejos se torna gruesa, áspera y escamosa en tono marrón grisáceo oscuro, con placas alargadas y fisuras longitudinales. Las ramas principales son largas y delgadas, extendidas o ligeramente apuntando hacia arriba; las ramas superiores son finas y cuelgan, siendo las últimas ramas las que cuelgan. Los brotes de estos árboles presentan textura áspera y escamosa una vez que los racimos de hojas se han desprendido, mostrando tonalidades que van desde el amarillo hasta el marrón rojizo, con hojas de follaje y de forma descendente. Las hojas crecen en grupos de 3-4(-5), en racimos colgantes, generalmente en dos hileras a lo largo del brote hacia arriba, durando de 2-3 años, delgadas, sueltas, colgantes o pendientes de (11-) 15-25 (-30) cm de largo × 0.7-0.9(-1) mm de ancho, con bordes aserrados, puntiagudas, de color verde claro a verde oscuro. Conos de semillas con posición subterminal o lateral, agrupados en verticilos de 2 a varios, ocasionalmente solitarios, que pueden ser persistentes o caerse, y se encuentran en pedúnculos cortos o moderadamente largos (hasta 20 mm). Las cubiertas

de las semillas, que suelen ser duras o que caen después de un cierto tiempo tras la maduración, son delgadas, leñosas y oblongas, por lo general curvadas al extenderse. Las escamas cercanas están unidas y tienen un color que va de marrón púrpura a marrón oscuro, con marcas de color marrón claro en la parte superior dejadas por las alas de las semillas (Farjon y Styles, 1997).

4.3. Distribución natural

La mayor parte del *Pinus patula* se encuentra en la Sierra Madre Oriental y en las altas montañas del centro-este de México en los estados de Querétaro, Hidalgo, México, Puebla y Veracruz. El *Pinus patula* se encuentra en áreas dispersas entre las latitudes 13° a 24° N y longitudes 85° y 100° W. Ha sido ampliamente plantado fuera de su rango natural desde la década de 1940 en diversas regiones tropicales y templadas, como el sur de África, la India, América del Sur y Australia (Gillespie, 1992).

4.4. Principales plagas y enfermedades asociadas a la especie

Los problemas fitosanitarios asociados con los pinos son causados por plantaciones que utilizan material vegetal de baja calidad. También pueden estar vinculados a entornos ambientales limitativos para la especie. Algunas enfermedades son controlables con químicos o biológicos, pero otras se propagan fácilmente en una población infectada al desconocer métodos de control. Se debe ser preciso en reconocer los daños producidos por hongos evitando confundir la toxicidad por herbicidas ni con la falta de nutrientes, como la deficiencia de boro, fósforo y potasio, entre otros. Las enfermedades se transmiten de diversas formas, desde esporas hasta insectos, y muchas afectan a todos los tipos de pinos. Los hongos afectan con mayor facilidad a los árboles en su etapa de juventud (Riley *et al.*, 2002).

Fusariosis, originada por *Fusarium sp.*, produce perjuicios en semillas, en plantas de vivero y en árboles maduros. Se introduce a nivel del suelo y posteriormente afecta a toda la planta al ingresar a través de los conductos vasculares. Incrementa su relevancia económica al parasitar plantaciones en crecimiento, causando necrosis y obstruyendo el flujo de nutrientes hacia las hojas, lo que resulta en la muerte descendente de individuos vulnerables. La enfermedad se relaciona con la curvatura de las puntas, la distorsión o tamaño reducido de los conos y grietas resinosas en el tronco (Ospina *et al.*, 2009).

La banda roja en las acículas, causada por *Mycosphaerella sp.*: Esta enfermedad se destaca por las bandas alrededor de las acículas, que cambian de color de verde claro y pasa a cloróticas y finalmente a rojizas. Generalmente, se encuentra más a menudo en agujas que tienen más de un año de edad, mientras que, las agujas nuevas se mantienen saludables al principio hasta que comienza el proceso nuevamente. En situaciones severas, la enfermedad puede afectar las agujas del año en curso. Este hongo Ascomycete provoca una enfermedad de gran importancia en los cultivos de pino en diversos países. Provoca la pérdida de humedad en las hojas, lo cual resulta en la caída de las hojas de los árboles, disminuyendo así su capacidad de hacer fotosíntesis y su salud general, pudiendo llevar incluso a la muerte del árbol en situaciones extremas. En su fase sin reproducción (*Dothristoma pini*) se presenta como un problema de importancia económica significativa. Se suele encontrar con frecuencia en las plantaciones de pino, sin necesidad de utilizar productos químicos o biológicos para corregirlo; no obstante, es crucial contar con condiciones edafoclimáticas y de nutrición apropiadas (Ospina *et al.*, 2009).

Enfermedad causada por *Phytophthora spp.*, *Pythium spp.*, *Rhizoctonia sp.*, puede resultar en volcamiento o pudrición en semillas y plántulas, causando la pudrición del cuello de la raíz. Varios factores como la humedad excesiva, niveles altos de pH en el suelo o agua, materia orgánica elevada, fertilizantes nitrogenados post-germinación, siembra profunda, altas temperaturas, mala aireación y daños físicos favorecen su presencia. Estos hongos pueden funcionar solos o en conjunto con otros agentes como *Fusarium sp.* y nematodos. Principalmente afectan la planta en su raíz y causan la muerte del hipocótilo al nivel del sustrato, lo que resulta en la caída y fallecimiento de la planta. Las semillas en proceso de crecimiento son perjudicadas antes y después de brotar. Estos organismos nocivos viven en el suelo por muchos años y parasitan al infiltrarse el micelio en todo el sistema de raíces. *Phytophthora sp.* y *Pythium sp.* son *Oomycetes* del orden Peronosporales que tienen zoosporas biflageladas, las cuales, son atraídas por lesiones o raíces suculentas. Al entrar en contacto, liberan el flagelo y forman estructuras de anclaje y penetración, provocando la pudrición húmeda de la radícula y la muerte de plantas (Ramírez-Mora, 2010).

Diplodia pinea (Sphaeropsis sapinea) es un hongo endofítico y patógeno oportunista de *Pinus spp.* se ha investigado la diversidad de este hongo a nivel geográfico extenso, sin

embargo, es escasa la información acerca de su estructura poblacional a escalas más reducidas, como en un único árbol. Los hallazgos señalan que existe una amplia diversidad genotípica de *Diplodia pinea* en árboles sin síntomas, lo que resultará en una aparición de enfermedades cuando los árboles están bajo estrés fisiológico (Bihon *et al.*, 2011).

4.5. Calidad de sitio

A pesar de que el término "sitio" está relacionado con el espacio, su significado fundamental no se enfoca en el espacio físico, sino en las condiciones que lo definen. En dasometría, el enfoque principal de este concepto es describir la capacidad de crecimiento relacionada con una ubicación específica (Corvalán-Vera y Hernández-Palma, 2006). Los principales factores que influyen en el crecimiento son:

1. Variables del clima: La temperatura, la humedad atmosférica, la radiación solar, las lluvias, la velocidad del viento, entre otros.
2. Factores del suelo: La profundidad útil, las características físicas y químicas, el nivel de humedad, la acidez, la presencia de microorganismos.
3. Factores topográficos: pendiente y forma topográfica, elevación y aspecto.
4. Factores competitivos: árboles adicionales, plantas más pequeñas, animales, seres humanos, entre otros.

Hay numerosas justificaciones para evaluar la calidad del sitio, ya sea para anticipar el crecimiento, planificar cosechas, implementar medidas de conservación y mitigación ambiental, entre otras.

Corvalán-Vera y Hernández-Palma (2006), mencionan que existen cuatro factores clave para el rendimiento y crecimiento de los rodales de una especie o combinación de especies.

1. Edad del rodal.
2. La calidad del sitio.
3. La densidad del rodal.
4. Tratamientos silviculturales.

La evaluación del sitio no otorga mucha importancia a los efectos de los factores competitivos, ya que son temporales y pueden modificarse con tratamientos silvícolas. La

finalidad principal es separar el impacto del entorno en condiciones constantes de edad, densidad y métodos de gestión forestal (Corvalán-Vera y Hernández-Palma, 2006).

4.6. Clasificación del sitio

Los sitios pueden ser categorizados de forma cualitativa y cuantitativa. Siempre es mejor usar una clasificación cuantitativa en lugar de una subjetiva cuando sea posible. Dentro del ámbito de la producción de madera, el concepto calidad del sitio se emplea para determinar la capacidad de producir madera basada en una especie o tipo forestal específico. Esta definición de calidad del sitio sólo tiene sentido para una o más especies y sus condiciones de manejo específicas. Lo que beneficia a una especie no siempre beneficia a otra (Corvalán-Vera y Hernández-Palma, 2006).

La calidad de un sitio puede evaluarse mediante los factores que influyen en el crecimiento de un área boscosa o mediante su capacidad de respuesta. Las dos formas de evaluar el sitio son (Corvalán-Vera y Hernández-Palma, 2006):

- Evaluando uno o varios factores relacionados con el crecimiento de los árboles. De esta forma, se busca analizar el lugar considerando los factores causales en su totalidad.
- Evaluando ciertas características de los árboles o la vegetación de menor tamaño que son consideradas sensibles al entorno. Este enfoque evalúa la influencia del medio ambiente sobre la vegetación.

4.7. Tipos de patrón de crecimiento en arboles

El desarrollo en altura alude a la serie de rasgos que determinan la ampliación de la longitud del brote terminal durante una o más temporadas de crecimiento en los individuos pertenecientes a una población o especie vegetal. De acuerdo con Salazar *et al.*, (1999), hay tres patrones de crecimiento en altura que predominan en las especies forestales y uno adicional, que aparece generalmente en circunstancias inusuales.

4.7.1. Crecimiento autónomo:

Este tipo de crecimiento se presenta en las fases tempranas del desarrollo de la planta. En esta etapa, la plántula produce y alarga todas sus células en respuesta a las condiciones del medioambiente. Es un crecimiento indefinido, pues su restricción se basa sobre todo en el entorno y no tanto en el genotipo de la planta. Sin embargo, pueden presentarse variaciones

genéticas entre poblaciones de una misma especie o entre especies distintas en la manera en que el meristemo apical reacciona a determinados elementos del medio ambiente.

4.7.2. Crecimiento Fijo:

Cuando las unidades de crecimiento que ya se han formado en una yema se extienden, se produce este tipo de crecimiento. Esta yema se forma normalmente al final de la época de crecimiento, como un mecanismo adaptativo para combatir el frío invernal. Por eso, este modelo de crecimiento es propio de especies perennes que viven en zonas templadas con inviernos rigurosos.

4.7.3. Crecimiento fijo-libre:

Este patrón es una combinación de los crecimientos fijo y libre, en la que el primero sucede siempre antes que el segundo. Se distingue por dividir el crecimiento anual del brote en dos etapas distintas durante el mismo período de crecimiento. La primera fase se deriva de células que ya estaban formadas en la yema que estuvo inactiva durante el invierno, mientras que la segunda etapa surge de células nuevas, generadas en una yema posterior (que puede ser poco visible o no), diferente a la yema del invierno. Así, cada año pueden ocurrir múltiples ciclos de elongación consecutivos, produciendo yemas que no se destinan al reposo invernal.

4.7.4. Crecimiento fijo-fijo:

Este patrón es raro y generalmente se manifiesta en circunstancias de estrés. Se trata de una prolongación tardía de la yema terminal que se desarrolló en el mismo período de crecimiento. Esta afecta su ciclo de reposo invernal debido a un cambio en la fisiología vegetal, ocasionado por condiciones ambientales atípicas. Los ciclos normales y aquellos que se extienden bajo este tipo de crecimiento pueden ser diferenciados en la misma temporada, puesto que los primeros muestran una región con catafilos estériles en su base, lo cual no sucede en la segunda etapa de los ciclos

4.8. Patrón de crecimiento de *Pinus patula*

De acuerdo con Cárdenas *et al.* (1998), el patrón de crecimiento anual de esta especie es bastante complicado y puede tener un efecto en la productividad y adaptabilidad en ubicaciones fuera de su rango de distribución natural.

4.9. Recursos genéticos forestales

Los bosques y los árboles juegan un papel fundamental en la mejora y protección del paisaje, los ecosistemas y los sistemas de producción, proporcionan bienes y servicios esenciales para

la supervivencia y también el bienestar de la humanidad en su conjunto. Los factores de crecimiento son esenciales para la adaptación y desarrollo de los bosques y los árboles, además de contribuir a aumentar su productividad (Mallén-Rivera, 2008).

La diversidad genética representa un elemento clave en la evaluación de las especies arbóreas, ya que les permite adaptarse a condiciones ambientales cambiantes y adversas, dando origen a una amplia variedad de recursos genéticos únicos. Esta cualidad ha posibilitado que los árboles se ajusten a situaciones cambiantes y desfavorables, lo cual, ha llevado a la creación de una amplia gama de recursos genéticos únicos e irremplazables. No obstante, la variabilidad genética de muchas especies sigue siendo desconocida, en particular en los bosques tropicales. Recientemente, la atención en la investigación de los recursos genéticos de los árboles forestales se ha centrado en la domesticación de los que se consideran los mejores. La presión sobre los bosques y la sobreexplotación de los recursos forestales amenazan los recursos genéticos, con la posibilidad de que se pierdan antes de ser aprovechados adecuadamente (FAO, 2011).

4.10. Mejoramiento genético

La capacidad de transmitir las características de los árboles a su descendencia está estrechamente relacionada con la diversidad que exhiben las poblaciones de especies en su totalidad. Esta variabilidad es esencial para la gestión del genotipo en especies y poblaciones, ya que, al ser identificada y evaluada conforme a metas específicas, puede ser utilizada para incrementar las ganancias genéticas homogeneizando la variabilidad, mientras se protegen especies y poblaciones mediante la heterogeneización en poblaciones con variabilidad que promueva la diversidad necesaria para asegurar nuevas adaptaciones y fuerza evolutiva (Alba-Landa, 2006).

En el ámbito del mejoramiento genético forestal, la conservación es clave, ya que implica mantener y resguardar la diversidad genética para poder seleccionar y obtener material mejorado. La "provisión" incluye la investigación y localización de recursos genéticos mediante la exploración en poblaciones naturales, así como el análisis de sistemas de cruzamiento y la estructura genética de especies individuales. Comúnmente, este aspecto final implica analizar la variación tanto entre como dentro de poblaciones en pruebas de procedencias y progenies (Keiding, 1991).

La finalidad principal del mejoramiento genético es optimizar características específicas de una especie, tales como su capacidad de adaptación al entorno de plantación, su tasa de crecimiento, su tolerancia frente a plagas y enfermedades, así como, la calidad del producto final obtenido (Mesén, 1994).

4.11. Importancia de conservar los recursos genéticos forestales

La gran diversidad de los bosques naturales, es un aporte clave ya que sirve como base para la selección genética actual y futura. La importancia de preservar los recursos genéticos actuales se debe a la incertidumbre acerca de las demandas futuras. Además de las pocas especies de árboles de valor económico o doméstico para algunas comunidades locales, es importante tener en cuenta que en los bosques naturales coexisten muchas otras especies de las cuales se conoce poco o nada sobre su importancia. Cada una de ellas debe ser prioritaria en programas de conservación (Kemp *et al.*, 1993).

4.12. Variabilidad genética forestal

La diversidad genética representa un componente clave de la biodiversidad y hace referencia a las variaciones hereditarias entre individuos, poblaciones y especies. Para determinar si un conjunto de organismos pertenece a una misma especie, es necesario analizar el nivel de variabilidad genética que comparten (Piñero, 2008).

Comprender la distribución actual de la variación genética es una de las finalidades para estudiar la variación genética, causada por la combinación de fuerzas naturales y actividades humanas (Namkoong, 1986).

De acuerdo con Zobel y Talbert (1988), la variación encontrada en los árboles forestales se puede dividir en las siguientes categorías o niveles:

1. Variabilidad geográfica (procedencias). Se refiere a las variaciones entre grupos de la misma especie en distintas áreas geográficas dentro de su hábitat natural.
2. Variabilidad entre sitios. Es el cambio que puede ocurrir en ocasiones en un lugar en comparación con otro, debido a las condiciones ambientales.
3. Variabilidad entre rodales dentro de sitios. Las disparidades genéticas son poco significativas.

4. Variabilidad de árboles dentro de un rodal. Esta variación suele ser extensa y es el principal tipo de variación genética que se emplea en un programa de selección y cruzamiento genético forestal.
5. Variabilidad dentro del árbol. Este tipo de variación se refiere a ciertas características particulares donde se pueden observar variaciones dentro de un solo individuo.

4.13. Causas de la variabilidad genética forestal

Básicamente, todas las diferencias entre árboles son el resultado de tres factores principales: los diferentes ambientes en los cuales los árboles crecen, las diferencias genéticas entre los árboles y las interacciones existentes entre los genotipos de los árboles y los ambientes en los cuales estos crecen. En los árboles forestales existen varias categorías diferentes de variación que pueden agruparse ampliamente en especies, orígenes geográficos (procedencias), rodales, sitios, árboles individuales y la variabilidad dentro de los árboles individuales (Zobel y Talbert, 1988).

La mayoría de las especies de árboles forestales presentan sistemas de polinización abierta que generan poblaciones genéticas altamente variables (heterocigotas). En estos sistemas, los diversos genotipos se reproducen eficazmente entre sí, y hay pocas cruzas exitosas entre las estructuras masculinas y femeninas de la misma planta con individuos que tienen una relación cercana. El tipo de reproducción dentro de una especie tiene un impacto significativo en la diversidad genética (Zobel y Talbert, 1988).

4.14. Ensayos de procedencias

La forma clásica de identificar la diversidad genética en los bosques ha sido a través de pruebas de origen y descendencia. En esta clase de experimentos se siembran árboles de diferentes orígenes y descendencias en un único sitio. Grandes disparidades de conducta pueden presentarse entre los lugares de origen en cuanto a las características económicas de interés (Mesén, 1994).

Los ensayos de procedencia son fundamentales para calcular la cantidad de diversidad presente en una especie. Para las especies con amplia distribución, la elección de orígenes puede incluir las etapas de muestreo de orígenes con amplio rango, muestreo de orígenes con rango limitado y validación de orígenes al comienzo de la primera etapa, generalmente hay poca información sobre la variabilidad de la especie. Por eso, se seleccionan las procedencias

a incluir teniendo en cuenta los factores ambientales y geográficos de la distribución natural de la especie (Pedersen *et al.*, 1993).

Según Eguiluz-Piedra (1988), procedencia se describe como el lugar geográfico de donde proviene un individuo, población o especie, es decir, en términos forestales, se refiere a la población de árboles que crece en un lugar específico de origen.

4.15. Pruebas de procedencias

Las pruebas de procedencias tienen como propósito principal evaluar la diversidad genética y su interacción con el ambiente para mejorar la planificación de programas de mejoramiento genético y reforestación comercial. Según Patiño y Garzón (1976) y Barnes y Gibson (1984), estos estudios deben seguir ciertas directrices y evitar prácticas silvícolas como ensayos de espaciamiento, fertilización, preparación de sitio y raleos, ya que su finalidad principal debe limitarse a ciertos aspectos.

1. Identificar la amplitud y modelos de la diversidad genética en la mayor cantidad de rasgos que se pueda y mediante muestras de semillas recolectadas en la zona de distribución de la especie. La cantidad y variedad de caracteres que se estudiarán dependerá de los recursos disponibles para investigar en el campo y en el laboratorio, pudiendo abarcar la variación en características anatómicas, bioquímicas, morfológicas y fenológicas.
2. Evaluar cómo estos rasgos se afectan en diferentes climas dentro del área de distribución de la especie y analizar la importancia de la interacción entre el origen de la planta y el entorno.
3. Se puede esperar que al comparar plantas provenientes de semillas recolectadas en bosques naturales con plantas derivadas de semillas recolectadas en plantaciones se obtenga la composición genética de la población.
4. Clasificar y organizar las fuentes de origen en cada área según su capacidad de adaptación y rendimiento. Los caracteres más significativos serán los relacionados con la supervivencia y la resistencia ante factores adversos del entorno y bióticos, además del crecimiento, la forma y la rectitud.

5. Depende de la cantidad de familia disponible, sin importar su origen, ya que, si es limitada, se pueden obtener materiales de alta calidad en el campo para comenzar y mantener un programa selectivo de mejora de árboles.
6. Identificar si hay influencias entre el genotipo y el ambiente.
7. Identificar las procedencias adecuadas para cada sitio es crucial si las interacciones son significativas.
8. Identificar orígenes con alto potencial de mejora adicional y producir material de selección para construir la población de mejora.
9. Comprender los modelos de diversidad genética entre diferentes comunidades de la misma especie.

Los trabajos de origen de plantas son el resultado del trabajo en equipo de varias personas y entidades. Así que, es necesario establecer, gestionar y evaluar correctamente, de manera que resulte en una planificación más efectiva de los programas de mejoramiento genético y reforestación comercial. Antes de comenzar un experimento, es importante establecer qué fuentes se van a considerar, la forma en que se va a recolectar muestras de cada fuente y el lugar donde se llevará a cabo el ensayo.

4.15.1. La importancia de la procedencia

Es común que las procedencias tengan variaciones genéticas distintas, por lo tanto, al plantar árboles de diversas procedencias juntas, como en una prueba de procedencias, es normal observar grandes variaciones en el comportamiento de características económicas entre ellas. De igual modo, los diversos orígenes no siempre se manifiestan de la misma manera en distintos entornos, lo que se conoce como interacción genotipo-ambiente. En ambas situaciones, los cambios en conducta pueden ser drásticos, especialmente en especies con una amplia distribución natural, por lo que es crucial realizar pruebas de procedencia antes de comenzar programas de reforestación o mejora genética. Mejorar una población durante años no tendría sentido si los niveles deseados se podrían haber alcanzado desde el principio eligiendo la procedencia correcta. El proceso de selección de fuentes es fundamental en el desarrollo genético de los bosques, siendo el punto inicial de actividades genéticas más complejas (Mesén, 1994).

4.16. Rodales semilleros

Las áreas semilleras son seleccionadas por sus características superiores en rodales naturales o zonas de plantación para garantizar el suministro de semillas de origen geográfico y parental conocido. Una etapa importante en el diseño de huertos semilleros es tener un alto porcentaje de árboles sanos y con buen fenotipo. Estos árboles generalmente no son sometidos a pruebas de progenie, lo que significa que su valor genético no está bien comprendido (Niembro, 1985).

La técnica de usar rodales semilleros es común en programas de mejoramiento forestal y ayuda a obtener semillas mejoradas en el futuro (Barret, 1980).

En especies que se distribuyen en amplias regiones geográficas, la mejora genética depende de la intensidad de selección aplicada sobre la población de origen. Esta selección debe centrarse en aquellos individuos que presentan características fenotípicas superiores en comparación con otros de la misma especie dentro del conjunto analizado. La intensidad de esta selección está directamente vinculada con las posibles ganancias genéticas que pueden lograrse en investigaciones futuras, ya que los ensayos permiten identificar los genotipos con mejor desempeño (Barret, 1980).

La selección de fuentes de semilla permite semillas mejoradas de manera rápida y económica, generando semillas con características superiores al promedio de la población estudiada, lo que facilita la optimización de la recolección de semillas en zonas específicas conocidas y referenciadas (Niembro, 1985).

4.17. Huerto semillero

Un huerto semillero es un espacio donde se cultivan y se administran de manera amplia características genéticas superiores para producir semillas mejoradas, controlando el origen y la descendencia (Zobel & Talbert, 1988).

Los huertos semilleros son una de las principales opciones para lograr los beneficios genéticos derivados del trabajo conjunto de los programas de selección y mejora. Según las descripciones tradicionales, se refiere a un terreno con árboles de mejor genética, protegido de polen de menor calidad, cuidado meticulosamente para generar cosechas de semillas frecuentes, abundantes y simples de recolectar (Emhart *et al.*, 2000).

Los huertos semilleros pueden establecerse a partir de dos orígenes distintos. Uno de ellos es el huerto semillero de plántulas, el cual se forma utilizando plantas derivadas de semillas recolectadas de árboles previamente seleccionados. El otro tipo corresponde a los huertos semilleros clonales, que se conforman mediante copias vegetativas de árboles sobresalientes, comúnmente propagadas a través de injertos (Emhart *et al.*, 2000).

Además de los huertos clonales y de plántulas, se incluye un tercer tipo de huertos: los buenos semilleros de plántulas extensivas. Se refieren a una plantación creada con al menos 60 progenitores de alta calidad, en la cual se realizan raleos grupales basados en los individuos superiores. En este tipo de huerto no se mantiene la identificación de las familias en el terreno, lo que lo hace útil como fuente temporal de semilla mejorada, aunque no permite planificar a largo plazo el programa de mejoramiento (Emhart *et al.*, 2000).

4.18. Conservación *in situ*

La conservación *in situ* se refiere al resguardo de los recursos genéticos dentro de su entorno natural, ya sea en áreas de aprovechamiento forestal o en espacios bajo protección. Este tipo de conservación implica mantener a una población determinada dentro de su ecosistema original, permitiendo su desarrollo y evolución en condiciones naturales (Frankel, 1976).

La preservación en su ambiente natural en bosques naturales a menudo implica entender cómo funcionan los ecosistemas y las relaciones entre las especies, no solo los árboles por separado. Asimismo, los bosques cuentan con diversos árboles y arbustos naturales que los gestores forestales pueden considerar de menor importancia, pero que poseen un gran valor en términos de recursos genéticos y potencial de uso futuro. No obstante, se pueden requerir medidas especiales de gestión para conservarlos, las cuales pueden lograrse mediante la creación de zonas de conservación genética. Teóricamente, una red de áreas de conservación de recursos genéticos sería efectiva para conservar los recursos genéticos de las especies seleccionadas si se respetan los patrones de distribución de la variabilidad genética (Eriksson *et al.*, 1995).

4.19. Conservación *ex situ*

La preservación fuera de su entorno natural, en colecciones, implica utilizar diversos recursos, técnicas e infraestructuras especializadas para ayudar en la recuperación y supervivencia de individuos o poblaciones. Un propósito fundamental de la preservación *ex*

situ es disminuir el peligro de desaparición de especies o poblaciones, a veces con la finalidad de introducir nuevas poblaciones en su hábitat natural (Lascuráin *et al.*, 2009).

4.20. Árboles plus

Un árbol plus, es un árbol que destaca fenotípicamente en una o más características de interés económico. La meta de elegir árboles superiores es utilizarlos como padres en poblaciones para mejorar y producir (Ipinza-Carmona, 1998). La elección de árboles de alta calidad, particularmente en la etapa inicial de mejoramiento, es posible tanto en plantaciones como en bosques naturales. Esto no significa que en etapas de generación avanzada no se puedan agregar árboles adicionales (Ipinza-Carmona, 1998).

4.21. Consideraciones generales

Para Ipinza-Carmona (1998), es importante considerar los factores que influyen en el éxito del mejoramiento genético, como la variabilidad genética, el carácter a mejorar, la intensidad de la selección, el método de selección, la heredabilidad del carácter y el método de propagación. Según esto, se debe seguir estos pasos para seleccionar los árboles plus.

- Establecer el procedimiento de selección, la calidad o característica a tener en cuenta y los estándares mínimos de los árboles potenciales.
- Seleccione los lugares y grupos de personas para realizar el proceso de selección. Es preferible que las plantas provengan de las mejores fuentes conocidas y estén ubicadas en la misma área donde se usará el material mejorado, para evitar disminuciones en la ganancia genética debido a la interacción genotipo-ambiente.
- Explorar de manera organizada las zonas seleccionadas y escoger los árboles potenciales. Generalmente, equipos o grupos de trabajadores capacitados realizan este trabajo en el campo. Idealmente, al elegir árboles en plantaciones o en bosques naturales de la misma edad, es mejor evitar que sean árboles de frontera. Si un árbol de límites es excepcionalmente bueno, podría compararse con los árboles de límites vecinos.
- Revisar los árboles candidatos y desechar aquellos que no cumplan con los requisitos mínimos previamente establecidos. A los que quedan se someten al formulario de evaluación de campo, de acuerdo con el método de selección establecido.

- Determinar el puntaje total final de cada árbol potencial y elegir aquellos que superen el puntaje mínimo establecido para árboles plus o, en su lugar, los mejores hasta alcanzar el número deseado o el diferencial de selección necesario.
- Finalmente, determina si un árbol es considerado como plus o no.

4.22. Principales métodos generales que se utilizan para la selección de árboles plus

4.22.1. Método de árboles de comparación

El método se basa en comparar el árbol candidato con los árboles cercanos para las características que se pretende mejorar. A menudo, se compara con los cinco árboles principales en una vecindad cercana, usualmente con una radio de 10 a 20 metros y utilizando como referencia el árbol en cuestión como punto central. Se emplea un formulario de campo para registrar las medidas o puntajes otorgados a los árboles de comparación y al árbol candidato en el proceso de aplicación del método. Después de realizar las operaciones para calcular el diferencial de selección o la puntuación final del árbol candidato, que está determinada por la superioridad del candidato sobre los otros en comparación (Ipinza-Carmona, 1998).

Una de las ventajas del método de comparación entre árboles es que permite eliminar las influencias derivadas de la edad, al analizar individuos de la misma edad, y reducir los efectos del sitio al comparar árboles cercanos entre sí. Esto contribuye a incrementar la heredabilidad y mejorar las ganancias genéticas. Generalmente, este enfoque se usa en bosques naturales de la misma edad o en plantaciones donde siempre hay árboles cercanos suficientes para realizar una comparación fenotípica adecuada, especialmente en aspectos afectados por la edad. El procedimiento también es válido para bosques con múltiples especies, siempre y cuando las características no estén influenciadas por la edad (Zobel y Talbert, 1988).

Al emplear este enfoque y calcular el diferencial de selección en comparación con la media de los cinco vecinos más cercanos y el árbol candidato, se puede asumir que la población base se refiere únicamente a la parte del bosque que será cosechada al final del ciclo. En esta situación, el diferencial de selección es una estimación de la discrepancia entre la media de los árboles elegidos y la media del bosque final después de todos los aclareos. La mejora genética estimada utilizando esta diferencia de selección corresponde a la mejora en relación al rodal final y no al rodal completo. Al poder comparar el árbol candidato con el promedio

de los árboles vecinos, es posible estimar la diferencia de selección con respecto al rodal en el momento de la selección (Ipinza-Carmona, 1998).

4.22.2. Método de selección por regresión o de la línea base

Se emplea en agrupaciones naturales de árboles de múltiples edades, ya sean cercanos entre sí o dispersos. Para llevarlo a cabo se requiere tener certeza sobre la edad de cada árbol, por ejemplo, utilizando un taladro de incremento para extraer el núcleo y poder contar los anillos de crecimiento en estas áreas con estaciones climáticas claramente definidas (Ipinza-Carmona, 1998).

El procedimiento implica crear curvas de regresión para las variables de interés que están relacionadas con la edad u otro factor. Si el árbol candidato tiene una edad conocida y su volumen es mayor al esperado según la regresión edad - volumen, es posible elegirlo. En términos generales, se puede establecer que la superioridad del valor real sobre el valor de regresión debe ser mínima para considerar al árbol candidato como un árbol plus. Este valor más bajo puede manifestarse en términos absolutos, porcentuales o en relación con la desviación estándar (Zobel y Talbert, 1988).

Para aplicar esta técnica se deben elaborar curvas para las diferentes calidades de sitio donde se pretende efectuar la selección (Zobel y Talbert, 1988).

4.22.3. Método de valoración individual

Se utiliza en áreas de bosques con variadas especies y edades de árboles dispersos, o cuando la población consiste en árboles individuales. En estos casos, el método de comparación de árboles no se puede utilizar. En este tipo de poblaciones, la heredabilidad suele ser baja debido a la amplia variación ambiental y las diferencias de edad entre los árboles (Ipinza-Carmona, 1998).

Para llevar a cabo la evaluación individual, el seleccionador necesita tener un amplio conocimiento de la gama de diferencias entre las especies para poder identificar correctamente un árbol de alta calidad. Es aconsejable hacer un recorrido por la localidad antes para tener una buena comprensión de la diversidad presente (Ipinza-Carmona, 1998).

Se puede establecer un valor mínimo para ciertas características cuantitativas que no se ven afectadas por la edad. Por ejemplo, se puede establecer un límite mínimo de altura para la primera bifurcación (Ipinza-Carmona, 1998).

4.23. Estudios realizados sobre el tema

(Delgadillo-Islas, 2024) investigó la relación entre el área de intercepción lumínica de la copa y características dasométricas en un ensayo de progenie de *Pinus patula* en Huayacocotla, Veracruz, el análisis de varianza mostró diferencias altamente significativas ($P \leq 0.0001$) entre las 64 familias de *Pinus patula* en las cuatro evaluaciones realizadas para la variable de altura total de los árboles. A la edad de 2.7 años de plantados, las familias con promedios más altos lograron la altura total de 363.1 cm, un diámetro normal de 31.5 mm y un área de intercepción lumínica de la copa de 13.5 m². En términos de altura y diámetro estándar, el 43% de las familias experimentaron un crecimiento superior al promedio general de la plantación. En cuanto al área de cobertura de luz en la copa, 29 familias superaron el promedio de la plantación (10.5 m²). Datos que contribuyen para transformar el ensayo de progenie en un huerto semillero a largo plazo para producir semillas con mejor calidad genética para la región.

En un estudio previo, (Escobedo-Luna, 2023) informó sobre la evaluación de las propiedades morfo-anatómicas de dos plantaciones de *Pinus patula* schiede ex schldt et cham. Hubo diferencias importantes entre las familias de árboles en el ensayo de progenie de *Pinus patula* en Ojo de Agua, Huayacocotla, Veracruz, en cuanto a las características morfológicas de la copa durante el período de 1.9-2.7 años. Donde los árboles alcanzaron una altura de 232,1 cm a los 1,9 años, con un diámetro normal de 20,6 mm y un área de intercepción lumínica de la copa de 4,5 m (familia 48), en 9 meses crecieron a 363,1 cm de altura, con un diámetro de 42,3mm (familia 48), y una intercepción lumínica de la copa de 13,5 m (familia 66). En cuanto a la cubierta del suelo, había árboles de 1,7 m* a los 1,9 años (familia 51) y en promedio cubrían el 15,4% de la superficie. Pasados nueve meses, algunos árboles alcanzaron una altura de 4,4 m (familia 55) y en promedio, la cobertura del suelo fue del 38,9% de la superficie. Los grupos familiares de *P. patula* en el ensayo de descendencia son adecuados para su uso en plantaciones para la conservación y protección del suelo en el área de distribución natural de la especie, debido a sus beneficios inmediatos superiores.

5. MATERIALES Y MÉTODOS

5.1. Ubicación del área de estudio

El ensayo de progenie de árboles de *Pinus patula* se encuentra en la localidad Los Caracoles dentro de los Bienes Comunales Chignautla, establecido el 24 de septiembre del 2019, en el municipio de Chignautla, en el estado de Puebla, con las coordenadas geográficas 19° 45' 15.7" latitud Norte y 97° 25' 05.4" longitud Oeste con 2,700 m.s.n.m. (Figura 1). Presenta un clima C(w2) templado subhúmedo, temperatura promedio anual de 16.4 °C. El tipo de suelo es Regosol eutrico (Figura 2) (CONABIO, 2000). La vegetación predominante es el bosque de pino con especies de *Pinus patula*, *Pinus teocote*, *Pinus pseudostrobus*, *Pinus montezumae* y *Quercus spp.* (INEGI, 2000).

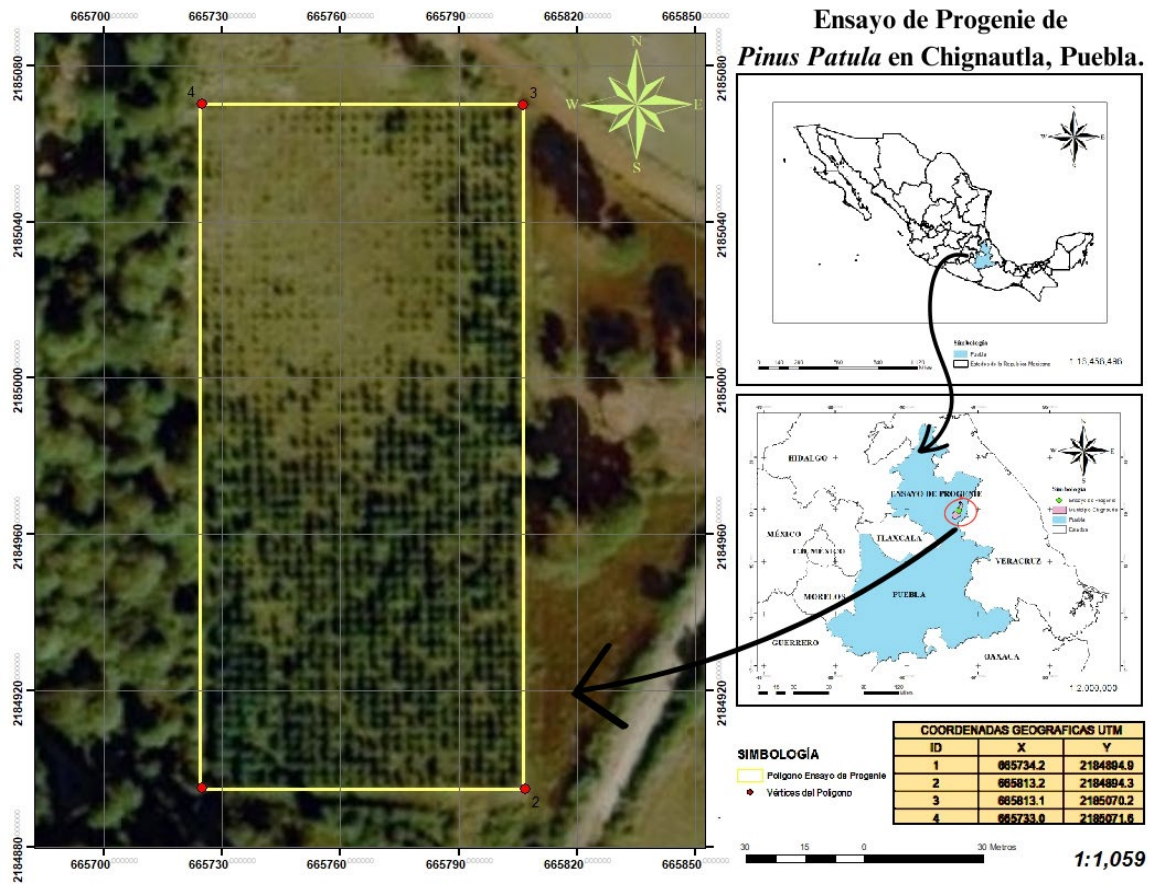


Figura 1. Localización del ensayo de progenie de 64 familias de *Pinus patula* establecido en Chignautla, Puebla, México.

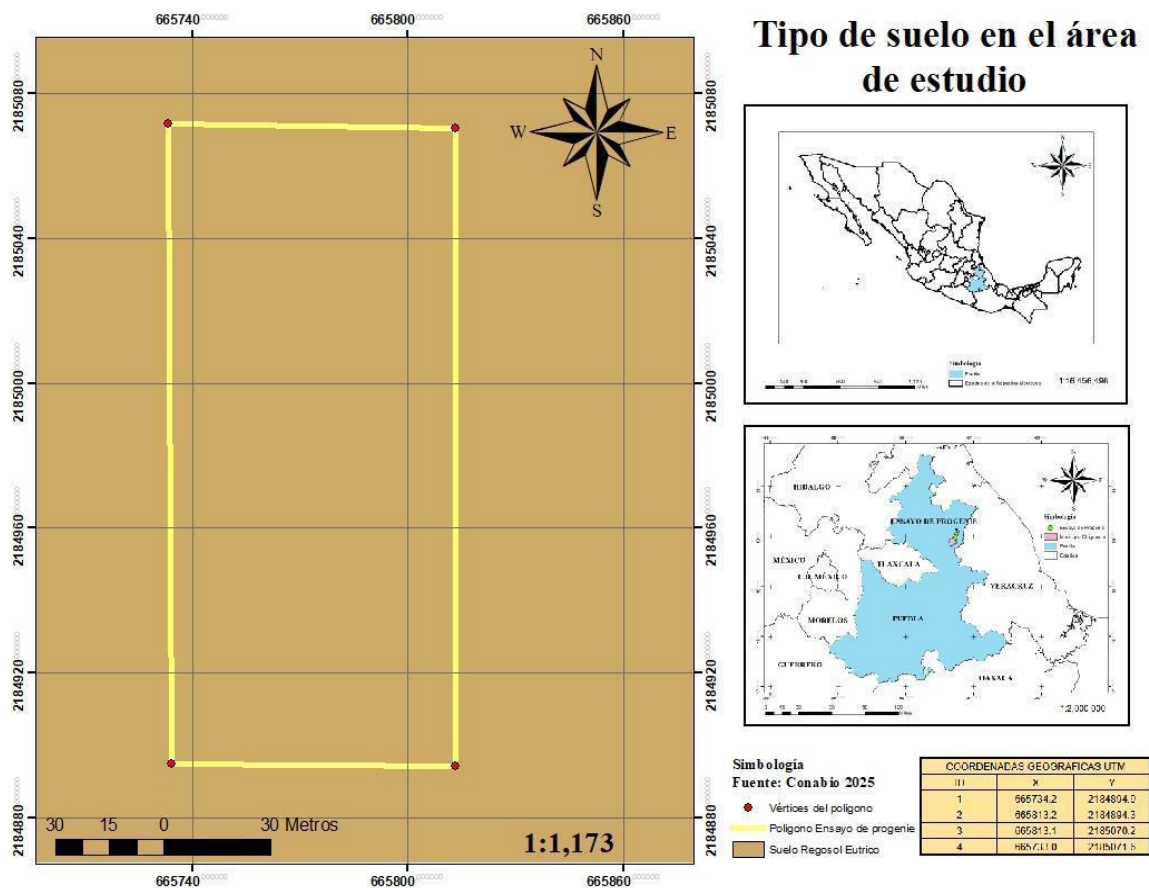


Figura 2. Tipo de suelo en el área de estudio que corresponde a Regosol Eutríco, fuente: CONABIO, 2025.

5.2. Colecta de germoplasma

Se recolectó germoplasma de 64 árboles progenitores de polinización abierta, provenientes de rodales naturales localizados en los estados de Hidalgo, Puebla y Veracruz. Los árboles madre (plus) fueron seleccionados principalmente con base en criterios de rápido crecimiento, tronco recto, capacidad de autopoda, ausencia de plagas y enfermedades, y la presencia de estróbilos femeninos maduros para la obtención de semilla, enumerados en orden de prioridad. Para minimizar el parentesco entre los individuos, se estableció como distancia mínima de 100 metros entre los árboles seleccionados. En el cuadro 1 se detalla el origen del germoplasma recolectado en las distintas regiones, identificando cada muestra con un número consecutivo para garantizar su trazabilidad y conocer su procedencia. Posteriormente, se plantaron en campo manteniendo la identificación de cada planta.

Cuadro 1. Origen de árboles superiores utilizados para la recolección de germoplasma (progenitores) con el fin de establecer el ensayo de progenie de 64 familias de *Pinus patula* en Chignautla, Puebla, México.

Número de Progenie	Estado	Municipios
1-25	Puebla	Tlatlauquitepec, Zacatlán y Ahuazotepec
25-35	Hidalgo	Metztitlán y Zacualtipán
36-60	Veracruz	Huayacocotla
61-75	Hidalgo	San Bartolo Tutotepec, Tlahuiltepa, Zacualtipán, Acaxochitlán y Agua Blanca

Las progenies 13, 14, 17, 19, 20, 25, 26, 41, 70, 71 y 73 fueron excluidas del ensayo debido a la baja producción de semillas y porcentajes bajos de germinación registrados en vivero.

5.3. Producción de planta

La producción de las plantas se llevó a cabo en el vivero forestal del Instituto de Ciencias Agropecuarias, perteneciente a la Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo. La siembra se realizó en tubos rígidos de polietileno negro con capacidad de 310 cm³. A los cinco meses, las plantas fueron trasladadas a un túnel equipado con malla sombra al 50%, diseñado para proporcionar un ambiente controlado que protegiera las plántulas de la exposición directa al sol y permitiera la aclimatación gradual a las condiciones exteriores. El sustrato utilizado en la siembra fue cuidadosamente formulado para ofrecer un equilibrio perfecto de nutrientes y estructura, integrando la mezcla de 60% de aserrín, 15% de tezontle para mejorar el drenaje, 15% de turba de musgo para retención de humedad, y 10% de vermiculita, conocida por su capacidad el intercambio catiónico además de retener agua y nutrientes. También, se incorporaron 8 gramos de fertilizante de liberación controlada, con duración de ocho meses (12-09-16), por litro de mezcla de sustrato, asegurando un aporte constante de nutrientes esenciales durante el periodo crítico de establecimiento. Las semillas se sembraron a la profundidad aproximada de 0.7 cm y se cubrieron cuidadosamente con vermiculita para protegerlas y optimizar su germinación.

5.4. Descripción del área de estudio

El ensayo de progenie se estableció en un terreno con poca vegetación forestal, con una extensión total de 1.43 hectáreas. Debido a las condiciones iniciales del sitio y su uso anterior, fue necesario realizar una limpieza exhaustiva, eliminando tocones de algunos árboles y la vegetación arbustiva y herbácea. Después, se preparó el suelo mediante dos pases de tractor con rastra para que el suelo tuviera las características adecuadas para la plantación.

El ensayo de progenie se estableció en septiembre de 2019, el diseño de la plantación se estableció en marco real y se empleó un espaciamiento uniforme de 3 metros entre plantas y líneas, y la técnica de plantación fue en cepa común. Para mitigar los efectos de borde y proteger el ensayo, se añadió una hilera de árboles de la misma especie y misma edad en todo el perímetro del terreno.

Es importante señalar que, en el extremo norte del terreno, existe ligera pendiente hacia el sur que modifica las características edáficas y de drenaje del sitio. Esta particularidad influyó significativamente en la supervivencia de las plantas, ya que se observó mayor incidencia de mortalidad en esta zona, probablemente debido a las condiciones ambientales y de humedad disponible en el suelo influenciadas por la pendiente.

5.5. Diseño experimental

Se empleó un diseño de bloques completos al azar, conformado por 21 bloques en los cuales se asignaron aleatoriamente 64 progenies (familias) en cada uno. Cada parcela experimental consistió en un árbol por progenie dentro de cada bloque, de forma completamente aleatoria (Figura 3). En total, el experimento incluyó 1,344 árboles, además de 164 árboles adicionales utilizados como borde, pertenecientes a las mismas familias plantadas en el ensayo de progenie, de esta manera se plantaron 1508 árboles de la especie bajo estudio.

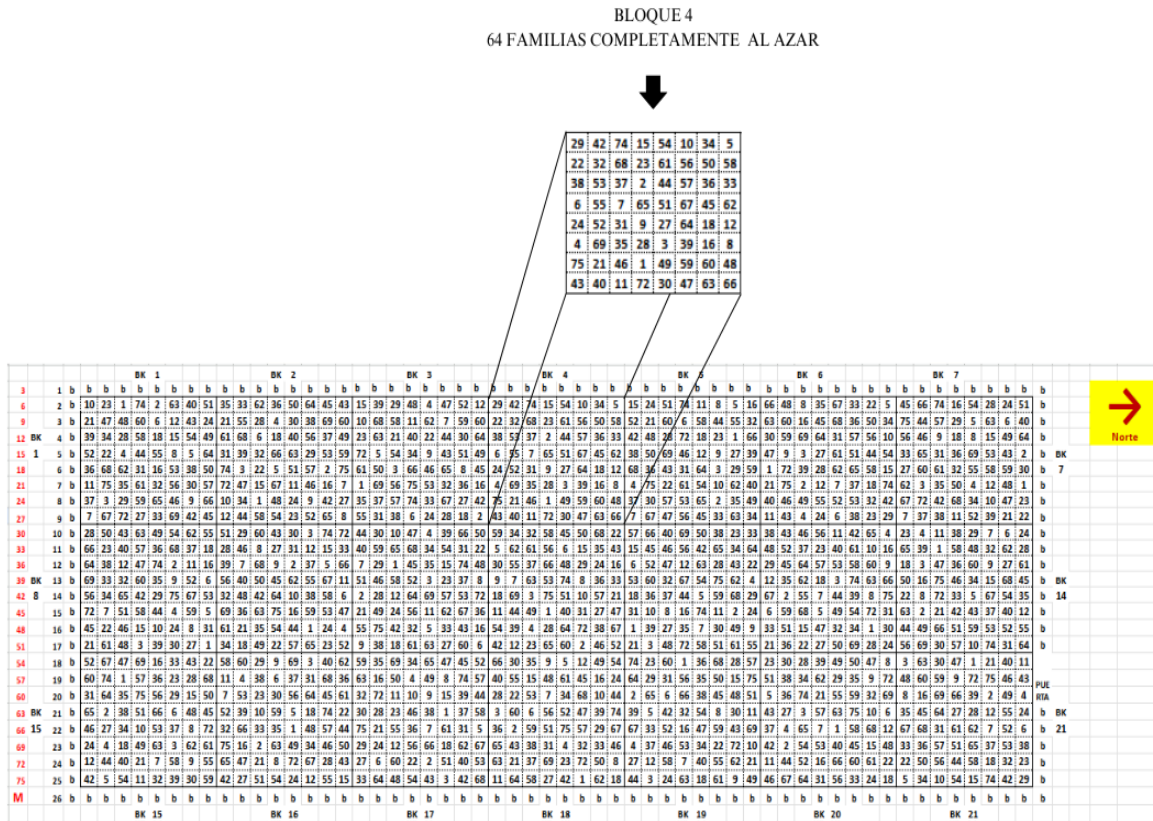


Figura 3. Diseño experimental del ensayo de progenie de 64 familias de *Pinus patula* realizado en bloques completamente al azar en Chignautla, Puebla, México.

5.6. Medición de las características dasométricas

La recopilación de datos se realizó en junio de 2023, cuando alcanzaron los 3.8 años. Se midió la altura total, el diámetro normal y se contabilizaron los verticilos de cada árbol

5.7. Altura total

La altura total del árbol se define como la distancia lineal a lo largo de su eje principal, midiendo desde el nivel del suelo hasta la parte superior (yema terminal). Esta variable se determinó utilizando una regla telescópica de la marca Hastings®, que tiene precisión de un centímetro, se colocó desde la superficie del suelo hasta la yema terminal (Figura 4).



Figura 4. Medición directa de altura total de árboles de *Pinus patula* del ensayo de progenie en Chignautla, Puebla, México.

5.8. Diámetro normal

El diámetro normal se refiere a la medición del diámetro del árbol a la altura de 1.30 metros desde el nivel del suelo. Para obtener esta medición, se utilizó un calibrador de árboles de la marca Drescher®, el cual ofrece precisión al milímetro (Figura 5).



Figura 5. Medición directa del diámetro normal en árboles de *Pinus patula* en el ensayo progenie, plantado en Chignautla, Puebla, Utilizando un calibrador con precisión al milímetro.

5.9. Verticilos

Se incluyó el conteo de verticilos presentes en los árboles. Los verticilos, son el conjunto de ramas que emergen del tronco (tallo) en un mismo nivel formando un patrón circular, permiten estimar la edad y el desarrollo estructural del árbol. En este caso, el conteo de verticilos se realizó únicamente a los 3.8 años de edad, lo que proporcionó información clave sobre el crecimiento y la estructura de los árboles en este periodo de evaluación.

5.10. Análisis estadístico

Los datos obtenidos en campo de las mediciones de altura total, diámetro normal y número de verticilos de los árboles, se les aplicó el análisis de varianza (ANOVA) bajo un diseño experimental de bloques completamente al azar mediante el Modelo Lineal General (GLM), se consideró como efectos principales el bloque (b) y la familia (f), cabe aclarar que para el

análisis estadístico solo se utilizaron los datos de 17 bloques completos, el motivo fue que cuatro bloques presentaron alta mortandad de plantas y fueron descartados. A las variables que presentaron diferencias estadísticamente significativas ($P \leq 0.05$) se les realizó la prueba de rango múltiple de Duncan para la comparación de medias, con el fin de identificar los grupos estadísticamente diferentes entre las familias evaluadas además, se estimaron los componentes de varianza para determinar la proporción de la varianza atribuible a los factores analizados en el modelo (familia y error). El análisis estadístico se realizó con el software SAS versión 9.4.

6. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

6.1. Altura total

El análisis de varianza mostró diferencias estadísticas significativas ($P \leq 0.0001$) en la variable de crecimiento en altura total, diámetro normal y número de verticilos entre las familias a los 3.8 años de establecidos los árboles de *Pinus patula* en el ensayo de progenie en Chignautla, Puebla (Cuadro 2).

Cuadro 2. Resultados del análisis de varianza para altura total, diámetro normal y número de verticilos en 64 familias del ensayo de progenie de *Pinus patula* en Chignautla, Puebla, México.

Variable	GL	CME	F. Valor	Pr>F
Altura total	63	8059.8	1.47	<.0001
Diámetro normal	63	2.0375	1.59	<.0001
Número de verticilos	63	2.3843	1.54	<.0001

GL= Grados de Libertad, CME= Cuadrado Medio del Error, Pr> F= Probabilidad

La familia 67 que procede del municipio Tlahuiltepa, Hidalgo, tuvo el mayor promedio en altura total de (395.7 cm), mientras que la familia 3 cuya procedencia es del municipio de Tlatlauquiltepec, Puebla, obtuvo el menor valor (275.0 cm) a la edad de 3.8 años. Se encontró la diferencia calculada entre familias extremas de 120.7 cm que significa que la familia 67 después de 45 meses de establecido en campo tiene el 30.5% más de altura total que la familia 3 (Figura 6). Los árboles de otras familias como 24, 30, 35 y 55 tuvieron alturas promedio por arriba de los 388 cm lo que muestra que son varias las familias con crecimientos similares con origen de la semilla de diferentes lugares. El origen de la familia 67 se ubica a 2,192 m de altitud, con exposición sur, lo que sugiere que ha encontrado condiciones de ambiente y suelo que le favorecen para su crecimiento, aunque el sitio de plantación experimental se encuentra a 2,700 m.s.n.m. en Chignautla.

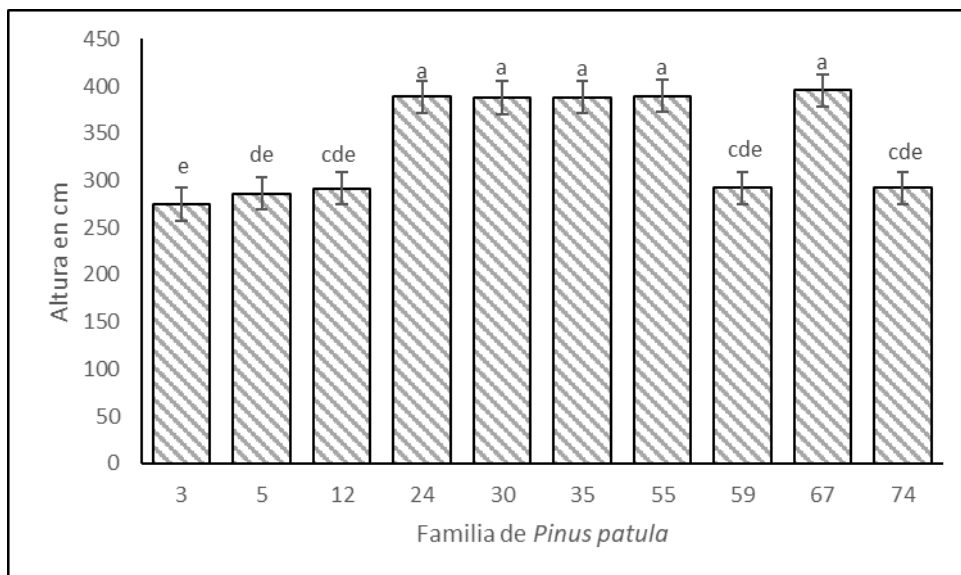


Figura 6. Valores promedio en altura total en 64 familias del ensayo de progenies de *Pinus patula* a 3.8 años de plantadas en la localidad Los Caracoles de Bienes Comunales Chignautla, Puebla. Se representan solo 5 familias con valores superiores y 5 familias con valores inferiores.

Por otro lado se identificó que la familia 3 con valor menor en la variable altura total su origen se ubica a los 2,473 m s.n.m., con exposición norte, lo cual podría haber influido en su desempeño al establecerse en un sitio con mayor altitud (2,700 m s.n.m.).

Esta información es útil para eliminar descendencias de bajo rendimiento en programas futuros de mejora forestal, particularmente en lugares con condiciones ambientales parecidas a las del área de este ensayo.

Estos valores son consistentes, pero a la vez superiores, a los reportados por Escobedo Luna, (2023), quien en Huayacocotla, Veracruz, encontró que entre 1.9 y 2.7 años la familia más vigorosa (48) pasó de 232.1 cm a 363.1 cm, es decir, 32.6 cm menos que la altura máxima registrada en este estudio, pese a la menor edad de evaluación. De forma similar, los resultados de Neri Romero, (2024) a los 3.4 años en el mismo ejido Viborillas, Huayacocotla, evidencian una diferencia entre familias extremas de 70.7 cm (familia 21 con 449.8 cm y familia 74 con 379.1 cm), donde la altura máxima superó en 54.1 cm la obtenida en Chignautla. Esta comparación revela que, a pesar de que se lograron cifras competitivas en Chignautla con una edad un poco más avanzada, el ensayo de Neri Romero, (2024), tuvo un

aumento más alto en menos tiempo. Esto podría deberse a factores relacionados con la ubicación, el manejo y la herencia genética. Globalmente, estas evaluaciones evidencian que las descendencias de *Pinus patula* tienen una gran diversidad genética y que la selección del material, así como la altitud, exposición y manejo del sitio, son factores clave para su crecimiento.

6.2. Diámetro normal

A la edad de 3.8 años la familia 67 cuya procedencia es el municipio de Tlahuiltepa, Hidalgo, tuvo el mayor promedio en diámetro normal (5.0 cm), por el contrario, la que mostró menor diámetro fue la familia 3 con (2.7 cm) cuyo origen es Tlatlaquiltepec, Puebla. Se encontró una diferencia calculada entre familias extremas de 2.2 cm lo que significa que la familia 67 después de 45 meses de establecida en campo tiene el 44.7% más de diámetro total que la familia 3 (Figura 7).

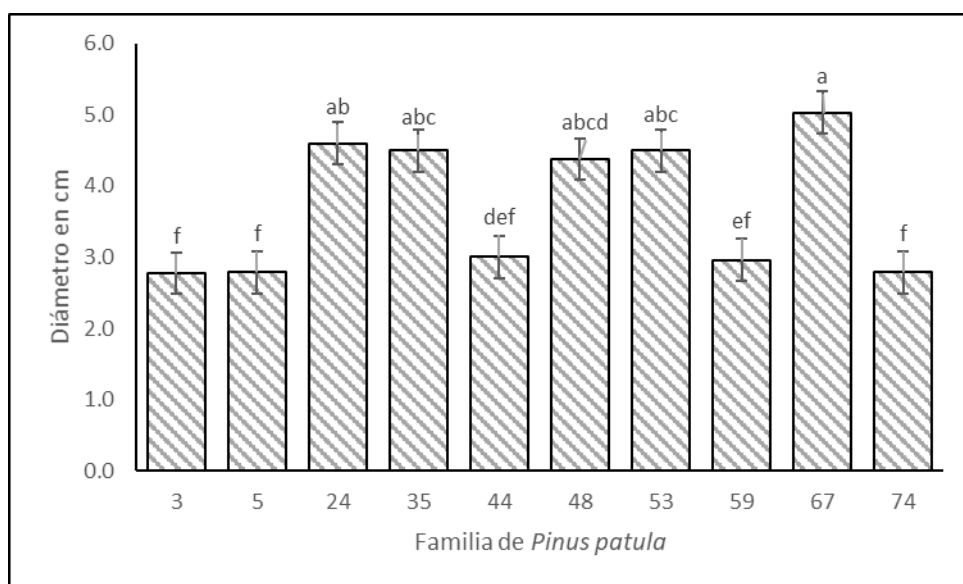


Figura 7. Diámetro normal promedio en 64 familias del ensayo de progenie de *Pinus patula* a 3.8 años de plantadas en la comunidad Los Caracoles de Bienes Comunes Chignautla, Puebla. Se representan solo 5 familias con valores superiores y 5 familias con valores inferiores.

Estos resultados son superiores a los reportados por Escobedo Luna, (2023), en Huayacocotla, donde a edades de 1.9 a 2.7 años la familia más destacada (48) incrementó su diámetro de 20.6 mm a 42.3 mm (es decir, de 2.06 cm a 4.23 cm), lo que representa 0.77 cm

menos que el máximo obtenido en Chignautla, pese a la menor edad de evaluación. Por su parte, Neri Romero, (2024), encontró a los 3.4 años en el mismo ejido Viborillas, Huayacocotla, que la familia 66, también proveniente de Tlahuiltepa, Hidalgo, alcanzó 6.3 cm, superando en 1.3 cm el valor máximo de este estudio, mientras que las familias 49 y 59 registraron los diámetros más bajos con 4.7 cm, lo que representa una diferencia de 25.4 % entre familias extremas. Estas comparaciones muestran que, si bien se lograron diámetros competitivos en Chignautla, los mejores materiales genéticos bajo las condiciones de Huayacocotla presentaron un crecimiento poco más elevado a una edad más temprana, lo cual resalta el efecto del lugar y la procedencia del material sobre el rendimiento de *Pinus patula*.

6.3. Verticilos

La familia 48, que procede del municipio de Huayacocotla, Veracruz, tuvo el mayor promedio en verticilos, mientras que la familia 58, cuya procedencia es del mismo municipio, obtuvo el menor valor 6 a la edad de 3.8 años. Se encontró una diferencia calculada entre familias extremas de 3 verticilos, lo que significa que la familia 48, después de 45 meses de establecido en campo, tiene 33.3% más verticilos que la familia 58 (Figura 8).

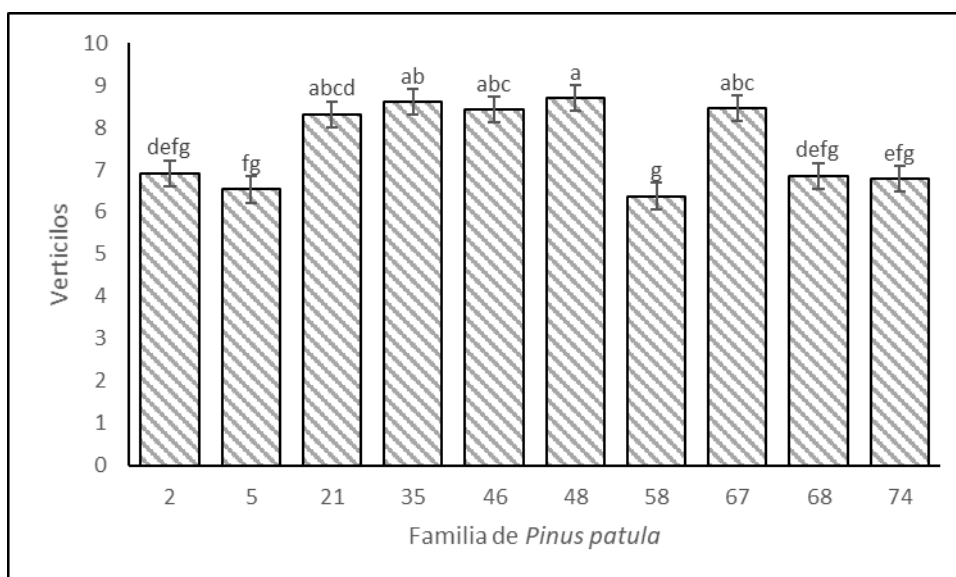


Figura 8. Número de verticilos en las familias destacadas del ensayo de progenie de *Pinus patula* a los 3.8 años de plantadas en los Caracoles dentro de los Bienes Comunes Chignautla, Puebla. Se representan solo 5 familias con valores superiores y 5 familias con valores inferiores.

En Sierra Mojada, las diferencias presentadas en esta variable fueron menores y no significativas, mientras que, en el sitio de Chichicaxtla a los 4 y 5 años de vida, Morales González *et al.* (2013), reportaron variaciones importantes. A pesar de que el análisis realizado en este estudio incluyó árboles más jóvenes (3.8 años), los valores del número de verticilos son similares y evidencian cómo lo genético y lo ambiental afectan la estructura del árbol.

Escobar Sandoval *et al.* (2018), detectó que la cantidad de verticilos tuvo correlaciones genéticas negativas con variables relacionadas con el crecimiento, como lo son el diámetro normal ($r_g = -0.59$), la altura ($r_g = -0.47$) y el volumen ($r_g = -0.53$). Esto señala que los árboles que crecieron más experimentaron menos verticilos, lo que es favorable en términos de la calidad del fuste. Si se comparan ambos estudios, puede observarse que, aunque hay una diferencia de edad, en este trabajo algunas familias con un buen desempeño en crecimiento también presentaron un número elevado de verticilos; esta situación podría variar con el paso del tiempo. Por lo tanto, es relevante monitorear el ensayo para determinar si esta tendencia persiste o si, como en el estudio de ocho años, la relación negativa entre la cantidad de verticilos y el crecimiento se vuelve más marcada con la edad.

De acuerdo con los resultados de la prueba de rango múltiple de Duncan aplicada a la variable verticilo, se concluye que el mejor tratamiento correspondió al bloque a la familia 48, los cuales alcanzaron una media de 8 verticilos. Estos mostraron las mayores medias de número de verticilos y un desempeño significativamente superior respecto al resto de los tratamientos evaluados.

En los resultados del análisis de varianza para las variables altura, diámetro y número de verticilos en el ensayo de progenie de *Pinus patula*, se encontró que los componentes de varianza atribuibles a las familias fueron bajos, mientras que la mayor proporción de la variación se explicó por el error experimental:

6.4. Componentes de varianza

Los componentes de varianza indicaron que 3.2% de la variable altura total se les atribuye a las familias y el 96.8% corresponde al error de muestreo. En la variable diámetro normal, a las familias se les atribuye el 3.9% y el 96.1% al error de muestreo. Por su parte, en el número

de verticilos a las familias se les atribuye el 3.6 %, mientras que el 96.4% al error de muestreo (Cuadro 3).

Los resultados de los componentes de varianza para el diámetro normal y la altura total obtenidos en el presente estudio muestran valores considerablemente inferiores a los reportados por, Neri Romero, (2024), en el ensayo de progenie del ejido viborillas, Huayacocotla, Veracruz. En dicho estudio, la autora encontró que para la variable altura total, las familias tuvieron el 11.4% de la variación a los 2.4 años y el 8.8% a los 3.4 años, mientras que en el diámetro normal, la contribución familiar fue del 9.4% y 10.3% para esas mismas edades.

Los hallazgos referentes a la cantidad de verticilos logrados en esta investigación fueron inferiores que los que registraron, Morales González et al. (2013), quienes evaluaron un ensayo de progenies de *Pinus patula* establecido en Aquixtla, Puebla, en dos sitios a diferente altitud. En dicho estudio, los autores reportaron valores de heredabilidad individual para el número de verticilos de $h^2_i = 0.18$ a los 4 años y $h^2_i = 0.16$ a los 5 años en el sitio de menor altitud, lo que indica una contribución genética moderada de las familias en etapas tempranas del crecimiento.

Estos resultados indican que existe variación genética entre las familias evaluadas, pero es relativamente pequeña en comparación con la variabilidad atribuida a factores no controlados o ambientales (error). Esto sugiere que, en este ensayo, el ambiente tuvo una influencia mucho mayor que la genética familiar sobre el crecimiento en altura, diámetro y número de verticilos.

Por lo tanto, a pesar de que la selección genética tiene cierto potencial, las estrategias de manejo en las condiciones ambientales podrían tener un impacto más significativo en el desempeño de los árboles.

Cuadro 3. Resultados de componentes de varianza en altura total, diámetro y número de verticilos en 64 familias de un ensayo de progenie de *Pinus patula* establecidas en Chignautla, Puebla, México.

Variable	Fv	CM	Componentes de varianza	
			Estimado	%
Altura	Familia	11860	263.08043	3.2
	Error	8059.9	8,059.90	96.8
Diámetro	Familia	3.2414	0.08334	3.9
	Error	2.03757	2.03757	96.1
Verticilos	Familia	3.6608	0.08838	3.6
	Error	2.38434	2.38434	96.4

FV = Fuente de Variación; *CM* = Cuadrados Medios. Los grados de libertad para las fuentes de variación son: F=63.

7. CONCLUSIONES

En el ensayo de progenie de 64 familias de *Pinus patula* establecido en Chignautla, Puebla, se obtuvo variabilidad en el crecimiento en altura total, diámetro normal y número de verticilos a la edad de 3.8 años de establecidos, lo que permite realizar mejoramiento genético en corto plazo en la región, al eliminar los árboles de las familias que mostraron menores valores en las características de altura y diámetro. En dicha fecha hubo familias que tuvieron 30.5% más de altura y en diámetro normal hubo diferencias de hasta el 44.7%. Respecto al número de verticilos por árbol hubo familias que superaron hasta con el 26.6% a otras familias.

El ensayo de progenie de 3.8 años mostró que la variabilidad genética en los rasgos dasométricos analizados se debió principalmente al error experimental, explicando el 96.8% en altura, 96.1% en diámetro y 96.4% en número de verticilos, mientras que la variación atribuida a la familia fue de 3.2%, 3.9% y 3.6%, respectivamente.

Los hallazgos, en su totalidad, corroboran la existencia de variabilidad genética que es beneficiosa para los programas de mejora forestal, sobre todo para elegir familias que sean destacadas por su crecimiento. Procedencias como Huayacocotla en Veracruz, Ahuazotepic en Puebla y Tlahuiltepa y Zacualtipán en Hidalgo son las más resaltantes. Sin embargo, se aconseja poner en marcha métodos de gestión que disminuyan la variabilidad experimental y eleven la heredabilidad para perfeccionar el proceso de selección genética y potenciar la producción de plantas de calidad.

8. REFERENCIAS

- Alba Landa, J. (2006). Movimiento de especies forestales en el estado de Veracruz, México. Doctorado en recursos genéticos forestal, Instituto de genética forestal, Universidad Veracruzana Xalapa, Veracruz. México. <https://www.uv.mx/iif/files/2014/10/Tesis-Juan-Alba-Dr.pdf>
- Barnes, R. D., & Gibson, G. L. (1984). Experimental design, management and selection of traits in provenance trials of tropical pines. In R. D. Barnes & G. L. Gibson (Eds.), *Provenance and genetic improvement strategies in tropical forest trees* (pp. xx-xx). Commonwealth Forestry Institute, University of Oxford. <https://www.fao.org/4/r4968e/R4968E15.tm>
- Barret, W. (1980). Selección y manejo de rodales semilleros con especial referencia a coníferas. Fao forestry paper No. 11. Rome: Food and agriculture Organization of the United Nations.
- Bihon, w., Burgess, t., Slippers, B., J. M., & Wingfield, B. D. (2011). Distribution of *Diplodia pinea* and its genotypic diversity within asymptomatic *Pinus patula* trees. *Australasian Plant Patho.* 10.1007/s13313-011-0060-z
- Cárdenas, M. G., Vargas Hernández, J. J., Jasso Mata, J., Velázquez Martínez, A., & Rodríguez Franco, C. (1998). *Pinus patula* Schiede ex Schltdl. et Cham. *Agrociencia*, 32(4).
- Conabio. (2000). Regiones terrestres prioritarias de México. http://www.conabio.gob.mx/conocimiento/regionalizacion/doctos/rtp_116.pdf
- Corvalán Vera, P., & Hernández Palma, J. (2006). El sitio: factores edáficos y climáticos que afectan el crecimiento de coníferas en México. Xalapa, Veracruz: instituto de investigaciones forestales, Universidad Veracruzana.

- Dámaso Almanza, T. (2013). Distribución natural de *Pinus patula* Schiede ex Schltdl. et Cham. en el municipio de Villa del Carbón, México. Colegio de posgraduados, campus montecillo. Consultado en agosto 2025. Disponible en: http://colposdigital.colpos.mx:8080/xmlui/bitstream/handle/10521/4246/Almanza_Tinoco_D_MT_Forestal_2013.pdf?sequence=1&isAllowed=y.
- Delgadillo Islas, A. (2024). Relación del área de intercepción lumínica de la copa con características dasométricas en un ensayo de progenie de *Pinus patula* Schiede ex Schltdl. et Cham. en Huayacocotla, Veracruz. Tesis de licenciatura, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo. Repositorio Institucional UAEH. <http://dgsa.uaeh.edu.mx:8080/jspui/bitstream/231104/4874/1/ATD265.pdf>
- Eguiluz Piedra, T. (1988). Glosario de términos de genética y mejoramiento genético forestal. https://www.google.com.mx/books/edition/Glosario_de_terminos_de_genetica_y_mejor/1dhluAAACAAJ?hl=es
- Emhart, V., Gutiérrez, B., Ipinza, R., Bello, A., Navarrete, M., & Clasing, G. (2000). Establecimiento de Huertos semillero de *Nothofagus*. Santiago, Chile: instituto forestal. researchgate.net. Retrieved 08 29, 2024, from https://www.researchgate.net/publication/255950218_Establecimiento_de_Huertos_Semilleros_de_Nothofagus
- Eriksson, G., Namkoong, G., & Roberds, J. (1995). Dynamic conservation of forest tree gene resources. Rome: Food and agricultura organization of the United Nations.
- Escobar Sandoval, M. C., Vargas Hernández, J. J., López Upton, J., Espinosa zaragoza, S., & Borja de la rosa, A. (2018). Parámetros genéticos de calidad de madera, crecimiento y ramificación en *Pinus patula*. *Madera y bosques*, 24(2), e2421595. Epub 18 de junio de 2018. <https://doi.org/10.21829/myb.2018.2421595>
- Escobedo Luna, T. (2023). Evaluación de las características morfo-anatómicas de dos ensayos de progenie de *Pinus patula* Schiede ex Schltdl et Cham. Tesis de maestría

Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo. Repositorio Institucional UAEH.
<http://dgsa.uaeh.edu.mx:8080/jspui/bitstream/231104/4455/1/ATD116.pdf>

Fao. (2011). Organización de las naciones unidad para la alimentación y agricultura de los recursos genéticos forestales. https://coin.fao.org/coin-static/cms/media/11/13310714832850/informe_rgf.pdf

Farjon, A., y Styles, B. T. (1997). Flora Neotrópica Monograph 75 Pinus (Pinaceae). New York Botanical Garden. 291 pág.

Flores Flores, C., López Upton, J., & Valencia Manzo., S. (2014). Manual técnico para el establecimiento de ensayos de procedencias y/o progenies (1st ed.). <http://www.conafor.gob.mx:8080/documentos/docs/19/0Manual%20Te%CC%81cnico%20para%20el%20Establecimiento%20de%20Ensayos.pdf>

Frankel, O. H. (1976). Natural variation and its conservation. En O. H. Frankel & E. Bennett (Eds.), Genetic resources in plants: Their exploration and conservation (pp. 21–44). Blackwell Scientific Publications. https://doi.org/10.1007/978-1-4684-2886-5_4

Gillespie, A. J.R. (1992). *Pino patula*. Managua, Nicaragua: Centro nacional de información y documentación Agropecuaria (Bio-Nica). <http://www.bio-nica.info/biblioteca/Gillespie1992PinusPatula.pdf>

Inegi. (2000). Síntesis geográfica del estado de Puebla. Retrieved 01 23, 2025, from https://www.inegi.org.mx/contenidos/productos/prod_serv/contenidos/espanol/bviniegi/productos/historicos/2104/702825222949/702825222949_15.pdf

Ipinza Carmona, R. (1998). Métodos de selección de árboles plus. Universidad Austral de Chile. <https://www.researchgate.net/publication/255949339> Métodos de selección de Árboles plus

- Keiding, H. (1991). La conservación genética y el mejoramiento forestal. " In mejoramiento forestal y conservación de los recursos genéticos forestales tomo I.I.
- Kemp, R. H., Namkoong, G., & Wadsworth, F. H. (1993). Conservation of genetic resources in tropical forest management: principles and concepts. food and agriculture organization of the United Nations. <https://www.fao.org/4/t0743e/T0743E00.htm>
- Lascuráin, M., List, R., Barraza, L., Díaz Pardo, E., Gual Sill, F., Maunder, M., Dorantes, J., & Luna, V. e. (2009). Conservación de especies *ex situ*, en Capital natural de México (Vol. 2). http://www2.biodiversidad.gob.mx/pais/pdf/CapNatMex/Vol%20II/II12_Conservacion%20de%20especies%20ex%20situ.pdf
- Mallén Rivera, C. (2008). Recursos genéticos forestales. Revista mexicana de ciencias forestales, 05(22). <https://doi.org/10.29298/rmcf.v5i22.346>
- Mesén, F. (1994). Ensayos de procedencias en especies forestales: establecimiento, manejo, evaluación y análisis. <https://repositorio.catie.ac.cr/bitstream/handle/11554/10718/A5310e.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Mesén, F. (1994). Introducción al mejoramiento genético forestal. <https://repositorio.catie.ac.cr/bitstream/handle/11554/10949/A7802e.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Morales González, E., López Upton, J., Vargas Hernández, J. J., Ramírez Herrera, C., & Gil Muñoz, A. (2013). Parámetros genéticos de *Pinus patula* en un ensayo de progenies establecido en dos altitudes. Fitotec Mexico, 36(2), 155-162. <https://revistafitotecniamexicana.org/documentos/36-2/7a.pdf>
- Namkoong, N. (1986). Genetics and the forests of the future. (Vol. 38). Unasylna., 38(152), 2-18.

- Neri Romero, E. (2024). Variación genética en características dasométricas en un ensayo de progenie de *Pinus patula* Schiede ex Schltdl. et Cham. En Huayacocotla, Veracruz. Tesis de licenciatura, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo. Repositorio Institucional UAEH. <http://dgsa.uaeh.edu.mx:8080/jspui/handle/231104/5958>
- Niembro, Rocas, A. (1985). Germoplasma Forestal. No 7, Universidad Autónoma de Chapingo, División de Ciencias Forestales. México.
- Ospina, M., Hernández, R., Rincón, E., Sánchez, F., Urrego, j., Rodas, C., Ramírez, C., & Riaño, N. (2009). Guías silviculturales. Colombia: Blanecolor S.A.S. 93.
- Patiño, V. F., & Garzon, B. L. (1976). Manual para el establecimiento de ensayos de procedencias. Instituto Nacional de investigaciones forestales.
- Pedersen, A. P., Olsen, k., & Gradual, L. (1993). Mejoramiento forestal a nivel de especies y procedencias. In mejoramiento forestal y conservación de los recursos genéticos forestales tomo I. Roma: Fao.
- Pérez Miranda, Ramiro, Moreno Sánchez, Francisco, González Hernández, Antonio, & Arreola Padilla, Víctor. (2013). Escenarios de la distribución potencial de *Pinus patula* Schltdl. et Cham. y *Pinus pseudostrobus* Lindl. con modelos de cambio climático en el Estado de México. *Revista mexicana de ciencias forestales*, 4(15), 73-86. Recuperado en 08 12, de 2025, de http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2007-11322013000100006&lng=es&tlng=es.
- Piñero, D. (2008). La diversidad genética como instrumento para la conservación y el aprovechamiento de la biodiversidad: estudios en especies mexicanas. In: capital natural de México. I: Conocimiento actual de la biodiversidad. Conabio.
- Ramírez Mora, M. A. (2010). Diversidad de insectos palo (*Insecta Phasmatodea*) de Colombia. Medellín.

- Riley, M.B., Williamson, M.R., & Maloy, O. (2002). Plant diseases diagnosis. 10.1094/OHI-I-2002-1021-01. 18.
- Rodríguez Vásquez, M. E., Rodríguez Ortiz, G., Enríquez Del Valle, J. R., Campos Ángeles, G. V., Velasco Velasco, V. A., & Hernández Hernández, A. (2021). Ensayos de progenies y huertos semilleros de especies forestales en México. *Revista Mexicana de Agroecosistemas*, 8(1), 79-88.
- Salaya Domínguez, J. M., López Upton, J., & Vargas Hernández, J. J. (2012). Variación genética y ambiental en dos ensayos de progenies de *Pinus patula*. *Agrociencia*, 46(5), 527-536.
https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S140531952012000500009
- Salazar García, J., Vargas Hernández, J., Jasso Mata, J. Molina Galán, J. Ramírez Herrera, C., López Upton, J. (1999). Variación en el patrón de crecimiento en altura en especies de *Pinus* en etapas tempranas. *Revista Madera y Bosques*. Vol. 5(2): 19-34.
Consultado en agosto 2025 Disponible en:
<https://www.redalyc.org/pdf/617/61750203.pdf>.
- Vallejo, A., & Zapata, F. (2018). *Pinus patula*. *Forestal Maderero*.
<https://www.forestmaderero.com/articulos/item/pino-patula.html>
- Zobel, B., & Talbert, J. (1988). Técnicas de mejoramiento genético de árboles forestales. México: Limusa. <https://bibliotecadigital.infor.cl/handle/20.500.12220/517>